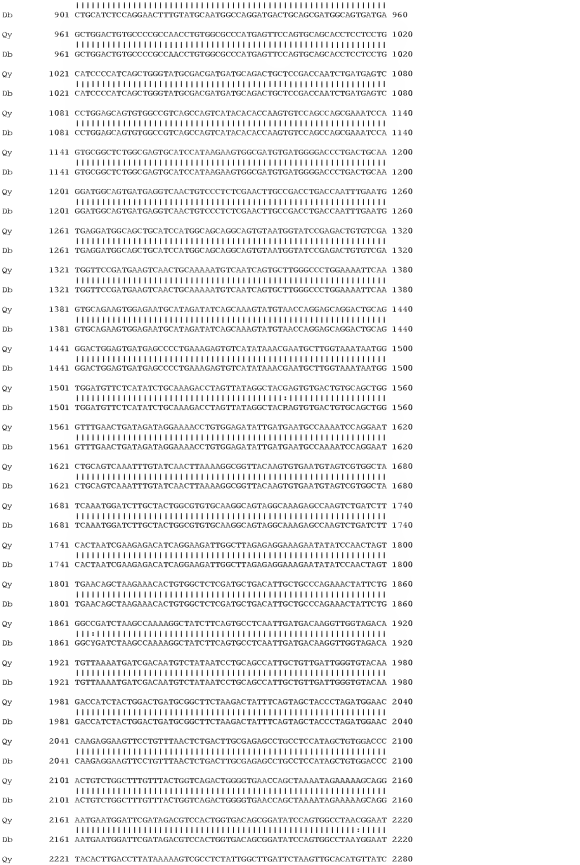
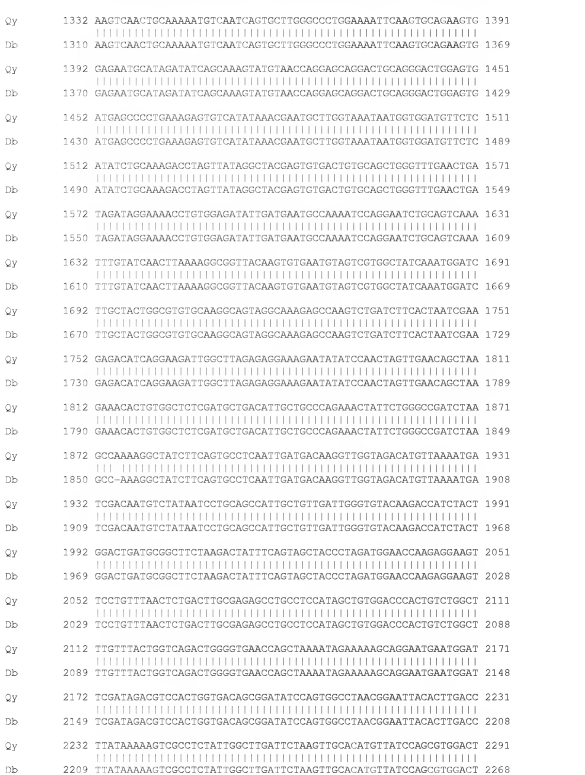
```
RESULT 2
US-10-796-280-504
; Sequence 504, Application US/10796280
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: CAMGILL, Michele et al.
;  TITLE OF INVENTION: GENETIC POLYMORPHISMS ASSOCIATED WITH
;  TITLE OF INVENTION:  STENOSIS, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
;  FILE REFERENCE: CL001510
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/796,280
;  CURRENT FILING DATE:  2004-03-10
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 68533
;  SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 504
;   LENGTH: 3374
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-796-280-504

  Query Match             99.9%;  Score 3370;  DB 57;  Length 3374;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 3364;  Conservative   10;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 CTCACCCCGCTCTCCGGCCGCCGGCCGGTGCGGGTGCTCCGCTACCGGCTCCTCTCGTTC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CTCACCCCGCTCTCCGGCCGCCGGCCGGTGCGGGTGCTCCGCTACCGGCTCCTCTCGTTC 60

Qy         61 TGTGCTCTCTTCTGCTCTCGGCTCCCCACCCCCTCTCCCCTTCCCTCCTCTCCCCTTGCCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGTGCTCTCTTCTGCTCTCGGCTCCCCACCCCCTCTCCCCTTCCCTCCTCTCCCCTTGCCT 120

Qy        121 CCCCTCCTCTGCAGCGCCTGCATTATTTTCTGCCCGCAGGCTCGGCTTGCACTGCTGCTG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CCCCTCCTCTGCAGCGCCTGCATTATTTTCTGCCCGCAGGCTCGGCTTGCACTGCTGCTG 180

Qy        181 CAGCCCGGGGAGGTGGCTGGGTGGGTGGGGAGGAGACTGTGCAAGTTGTAGGGGAGGGGG 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 CAGCCCGGGGAGGTGGCTGGGTGGGTGGGGAGGAGACTGTGCAAGTTGTAGGGGAGGGGG 240

Qy        241 TGCCCTCTTCTTCCCCGCTCCCTTCCCCCGCCAACTCCTTCCCCTCCTTCTCCCCCTTTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 TGCCCTCTTCTTCCCCGCTCCCTTCCCCCGCCAACTCCTTCCCCTCCTTCTCCCCCTTTC 300

Qy        301 CCCTCCCCGCCCCCACCTTCTTCCTCCTTTCGGAAGGACTGGTAACTTGTCGTGCGGAGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCCTCCCCGCCCCCACCTTCTTCCTCCTTTCGGAAGGACTGGTAACTTGTCGTGCGGAGC 360

Qy        361 GAACGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCATCCATCCAGGCGGGCACCATGGGCACGTCCGC 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GPACGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCATCCATCCAGGCGGGCACCATGGGCACGTCCGC 420

Qy        421 GCTCTGGGGCGCTCTGGCTGCTGCTCGCGCTGTGCTGGGGCGCCCCGGGAGAGCGGCGCCAC 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 GCTCTGGGCGCTCTGGCTGCTGCTCGCGCTGTGCTGGGGCGCCCCGGGAGAGCGGCGCCAC 480

Qy        481 CGGAACCGGGAGAAAGCCAAATGTGAACCCTCCCAATTCCAGTGCACAAATGGTCGCTG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CGGAACCGGGAGAAAGCCAAATGTGAACCCTCCCAATTCCAGTGCACAAATGGTCGCTG 540

Qy        541 TATTACGCTGTTGTGGAAATGTGATGGGGATGAAGACTGTGTTGACGGCAGTGATGAAAA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 TATTACGCTGTTGTGGAAATGTGATGGGGATGAAGACTGTGTTGACGGCAGTGATGAAAA 600

Qy        601 GAACTGTGTAAAGAAGACGTGTGCTGAATCTGACTTCGTGTGCAACAATGGCCAGTGTGT 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 GAACTGTGTAAAGAAGACGTGTGCTGAATCTGACTTCGTGTGCAACAATGGCCAGTGTGT 660

Qy        661 TCCCAGCCGATGGAAGTGTGATGGAGATCCTGACTGCGAAGATGGTTCAGATGAAAGCCC 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 TCCCAGCCGATGGAAGTGTGATGGAGATCCTGACTGCGAAGATGGTTCAGATGAAAGCCC 720

Qy        721 AGAACAGTGCCATATGAGAACATGCCGCATACATGAAATCAGCTGTGGCGCCCATTCTAC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 AGAACAGTGCCATATGAGAACATGCCGCATACATGAAATCAGCTGTGGCGCCCATTCTAC 780

Qy        781 TCAGTATATCCCAGTGTCCTGGAGATGTGATGGTGAAAATGATTGTGACAGTGGAGAAGA 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TCAGTGTATCCCAGTGTCCTGGAGATGTGATGGTGAAAATGATTGTGACAGTGGAGAAGA 840

Qy        841 TGAAGAAAACTGTGGCAATATAACATGTAGTCCCGACGAGTTCACCTGCTCCAGTGGCCG 900
              ||||||||||||||||||||||||||:|||:|||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 TGAAGAAAACTGTGGCAATATAACATGTASTCCYGACGAGTTCACCTGCTCCAGTGGCCG 900

Qy        901 CTGCATCTCCAGGAACTTTGTATGCAATGGCCAGGATGACTGCAGCGATGGCAGTGATGA 960
```



```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 CTGCATCTCCAGGAACTTTGTATGCAATGGCCAGGATGACTGCAGCGATGGCAGTGATGA 960

Qy          961 GCTGGACTGTGCCCCGCCAACCTGTGGCGCCCATGAGTTCCAGTGCAGCACCTCCTCCTG 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 GCTGGACTGTGCCCCGCCAACCTGTGGCGCCCATGAGTTCCAGTGCAGCACCTCCTCCTG 1020

Qy         1021 CATCCCCATCAGCTGGGTATGCGACGATGATGCAGACTGCTCCGACCAATCTGATGAGTC 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 CATCCCCATCAGCTGGGTATGCGACGATGATGCAGACTGCTCCGACCAATCTGATGAGTC 1080

Qy         1081 CCTGGAGCAGTGTGGCCGTCAGCCAGTCATACACACCAAGTGTCCAGCCAGCGAAATCCA 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 CCTGGAGCAGTGTGGCCGTCAGCCAGTCATACACACCAAGTGTCCAGCCAGCGAAATCCA 1140

Qy         1141 GTGCGGCTCTGGCGAGTGCATCCATAAGAAGTGGCGATGTGATGGGGACCCTGACTGCAA 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 GTGCGGCTCTGGCGAGTGCATCCATAAGAAGTGGCGATGTGATGGGGACCCTGACTGCAA 1200

Qy         1201 GGATGGCAGTGATGAGGTCAACTGTCCCTCTCGAACTTGCCGACCTGACCAATTTGAATG 1260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GGATGGCAGTGATGAGGTCAACTGTCCCTCTCGAACTTGCCGACCTGACCAATTTGAATG 1260

Qy         1261 TGAGGATGGCAGCTGCATCCATGGCAGCAGGCAGTGTAATGGTATCCGAGACTGTGTCGA 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 TGAGGATGGCAGCTGCATCCATGGCAGCAGGCAGTGTAATGGTATCCGAGACTGTGTCGA 1320

Qy         1321 TGGTTCCGATGAAGTCAACTGCAAAAATGTCAATCAGTGCTTGGGCCCTGGAAAATTCAA 1380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 TGGTTCCGATGAAGTCAACTGCAAAAATGTCAATCAGTGCTTGGGCCCTGGAAAATTCAA 1380

Qy         1381 GTGCAGAAGTGGAGAATGCATAGATATCAGCAAAGTATGTAACCAGGAGCAGGACTGCAG 1440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 GTGCAGAAGTGGAGAATGCATAGATATCAGCAAAGTATGTAACCAGGAGCAGGACTGCAG 1440

Qy         1441 GGACTGGAGTGATGAGCCCCTGAAAGAGTGTCATATAAACGAATGCTTGGTAAATAATGG 1500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 GGACTGGAGTGATGAGCCCCTGAAAGAGTGTCATATAAACGAATGCTTGGTAAATAATGG 1500

Qy         1501 TGGATGTTCTCATATCTGCAAAGACCTAGTTATAGGCTACGAGTGTGACTGTGCAGCTGG 1560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||
Db         1501 TGGATGTTCTCATATCTGCAAAGACCTAGTTATAGGCTACRAGTGTGACTGTGCAGCTGG 1560

Qy         1561 GTTTGAACTGATAGATAGGAAAACCTGTGGAGATATTGATGAATGCCAAAATCCAGGAAT 1620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1561 GTTTGAACTGATAGATAGGAAAACCTGTGGAGATATTGATGAATGCCAAAATCCAGGAAT 1620

Qy         1621 CTGCAGTCAAATTTGTATCAACTTAAAAGGCGGTTACAAGTGTGAATGTAGTCGTGGCTA 1680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1621 CTGCAGTCAAATTTGTATCAACTTAAAAGGCGGTTACAAGTGTGAATGTAGTCGTGGCTA 1680

Qy         1681 TCAAATGGATCTTGCTACTGGCGTGTGCAAGGCAGTAGGCAAAGAGCCAAGTCTGATCTT 1740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1681 TCAAATGGATCTTGCTACTGGCGTGTGCAAGGCAGTAGGCAAAGAGCCAAGTCTGATCTT 1740

Qy         1741 CACTAATCGAAGAGACATCAGGAAGATTGGCTTAGAGAGGAAAGAATATATCCAACTAGT 1800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1741 CACTAATCGAAGAGACATCAGGAAGATTGGCTTAGAGAGGAAAGAATATATCCAACTAGT 1800

Qy         1801 TGAACAGCTAAGAAACACTGTGGCTCTCGATGCTGACATTGCTGCCCAGAAACTATTCTG 1860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1801 TGAACAGCTAAGAAACACTGTGGCTCTCGATGCTGACATTGCTGCCCAGAAACTATTCTG 1860

Qy         1861 GGCCGATCTAAGCCAAAAGGCTATCTTCAGTGCCTCAATTGATGACAAGGTTGGTAGACA 1920
                |||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1861 GGCYGATCTAAGCCAAAAGGCTATCTTCAGTGCCTCAATTGATGACAAGGTTGGTAGACA 1920

Qy         1921 TGTTAAAATGATCGACAATGTCTATAATCCTGCAGCCATTGCTGTTGATTGGGTGTACAA 1980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1921 TGTTAAAATGATCGACAATGTCTATAATCCTGCAGCCATTGCTGTTGATTGGGTGTACAA 1980

Qy         1981 GACCATCTACTGGACTGATGCGGCTTCTAAGACTATTTCAGTAGCTACCCTAGATGGAAC 2040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1981 GACCATCTACTGGACTGATGCGGCTTCTAAGACTATTTCAGTAGCTACCCTAGATGGAAC 2040

Qy         2041 CAAGAGGAAGTTCCTGTTTAACTCTGACTTGCGAGAGCCTGCCTCCATAGCTGTGGACCC 2100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2041 CAAGAGGAAGTTCCTGTTTAACTCTGACTTGCGAGAGCCTGCCTCCATAGCTGTGGACCC 2100

Qy         2101 ACTGTCTGGCTTTGTTTACTGGTCAGACTGGGGTGAACCAGCTAAAATAGAAAAAGCAGG 2160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2101 ACTGTCTGGCTTTGTTTACTGGTCAGACTGGGGTGAACCAGCTAAAATAGAAAAAGCAGG 2160

Qy         2161 AATGAATGGATTCGATAGACGTCCACTGGTGACAGCGGATATCCAGTGGCCTAACGGAAT 2220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||
Db         2161 AATGAATGGATTCGATAGACGTCCACTGGTGACAGCGGATATCCAGTGGCCTAAYGGAAT 2220

Qy         2221 TACACTTGACCTTATAAAAAGTCGCCTCTATTGGCTTGATTCTAAGTTGCACATGTTATC 2280
```

```
Db    2221 TACACTTGACCTTATAAAAAGTCGCCTCTATTGGCTTGATTCTAAGTTGCACATGTTATC 2280

Qy    2281 CAGCGTGGACTTGAATGGCCAAGATCGTAGGATAGTACTAAAGTCTCTGGAGTTCCTAGC 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 CAGCGTGGACTTGAATGGCCAAGATCTTAGGATAGTACTAAAGTCTCTGGAGTTCCTAGC 2340

Qy    2341 TCATCCTCTTGCACTAACATATTTGAGGATCGTGTCTACTGGATAGATGGGGAAAATGA 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 TCATCCTCTTGCACTAACATATTTGAGGATCGTGTCTACTGGATAGATGGGGAAAATGA 2400

Qy    2401 AGCAGTCTATGGTGCCAATAAATTCACTGGATCAGAGCTAGCCACTCTAGTCAACAACCT 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 AGCAGTCTATGGTGCCAATAAATTCACTGGATCAGAGCTAGCCACTCTAGTCAACAACCT 2460

Qy    2461 GAATGATGCCCAAGACATCATTGTCTATCATGAACTTGTACAGCCATCAGGTAAAAATTG 2520
           ||||||||||-||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 GAATGATGCCCAPGACATCATTGTCTATCATGAACTTGTACAGCCATCAGGTAAAAATTG 2520

Qy    2521 GTGTGAAGAAGACATGGAGAATGGAGGATGTGAATACCTATGCCTGCCAGCACCACAGAT 2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 GTGTGAAGAAGACATGGAGAATGGAGGATGTGAATACCTATGCCTGCCAGCACCACAGAT 2580

Qy    2581 TAATGATCACTCTCCAAAATATACCTGTTCCTGTCCCAGTGGGTACAATGTAGAGGAAAA 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 TAATGATCACTCTCCAAAATATACCTGTTCCTGTCCCAGTGGGTACAATGTAGAGGAAAA 2640

Qy    2641 TGGCCGAGACTGTCAAAGGATCAATGTGACCACAGCAGTATCAGAGGTCAGTGTTCCCCC 2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 TGGCCGAGACTGTCAAAGGATCAATGTGACCACAGCAGTATCAGAGGTCAGTGTTCCCCC 2700

Qy    2701 AAAAGGGACTTCTGCCGCATGGGCCATTCTTCCTCTCTTGCTCTTAGTGATGGCAGCAGT 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 AAAAGGGACTTCTGCCGCATGGGCCATTCTTCCTCTCTTGCTCTTAGTGATGGCAGCAGT 2760

Qy    2761 AGGTGGCTACTTGATGTGGCGGAATTGGCAACACAAGAACATGAAAAGCATGAACTTTGA 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 AGGTGGCTACTTGATGTGGCGGAATTGGCAACACAAGAACATGAAAAGCATGAACTTTGA 2820

Qy    2821 CAATCCTGTGTACTTGAAAACCACTGAAGAGGACCTCTCCATAGACATTGGTAGACACAG 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2821 CAATCCTGTGTACTTGAAAACCACTGAAGAGGACCTCTCCATAGACATTGGTAGACACAG 2880

Qy    2881 TGCTTCTGTTGGACACACGTACCCAGCAATATCAGTTGTAAGCACAGATGATGATCTAGC 2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2881 TGCTTCTGTTGGACACACGTACCCAGCAATATCAGTTGTAAGCACAGATGATGATCTAGC 2940

Qy    2941 TTGACTTCTGTGACAAATGTTGACCTTTGAGGTCTAAACAAATAATACCCCGTCGGAAT 3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2941 TTGACTTCTGTGACAAATGTTGACCTTTGAGGTCTAAACAAATAATACCCCGTCGGAAT 3000

Qy    3001 GGTAACCGAGCCAGCAGCTGAAGTCTCTTTTCTTCCTCTCGGCTGGAAGAACATCAAGA 3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3001 GGTAACCGAGCCAGCAGCTGAAGTCTCTTTTCTTCCTCTCGGCTGGAAGAACATCAAGA 3060

Qy    3061 TACCTTTGCGTGGATCAAGCTTGTGTACTTGACCGTTTTTATATTACTTTTGTAAATATT 3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3061 TACCTTTGCGTGGATCAAGCTTGTGTACTTGACCGTTTTTATATTACTTTTGTAAATATT 3120

Qy    3121 CTTGTCCACATTCTACTTCAGCTTTGGATGTGGTTACCGAGTATCTGTAACCCTTGAATT 3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3121 CTTGTCCACATTCTACTTCAGCTTTGGATGTGGTTACCGAGTATCTGTAACCCTTGAATT 3180

Qy    3181 TCTAGACAGTATTGCCACCCTCTGGCCAAATATGCACTTTCCCTAGAAAGCCATATTCCAG 3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3181 TCTAGACAGTATTGCCACCCTCTGGCCAAATATGCACTTTCCCTAGAAAGCCATATTCCAG 3240

Qy    3241 CAGTGAAACTTGTGCTATAGTGTATACCACCTGTACATACATTGTATAGGCCATCTGTAA 3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3241 CAGTGAAACTTGTGCTATAGTGTATACCACCTGTACATACATTGTATAGGCCATCTGTAA 3300

Qy    3301 ATATCCCGGACAAAACGGGTTACTAAGATGAAATTGCCCAAAAAAATTTATAAACTAATTT 3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3301 ATATCCCGGACAAAACGGGTTACTAAGATGAAATTGCCCAAAAAAATTTATAAACTAATTT 3360

Qy    3361 TGTACGTATGAATG 3374
           ||||||||||||||
Db    3361 TGTACGTATGAATG 3374
```

```
RESULT 5
ABX62889
ID   ABX62889 standard; cDNA; 3622 BP.
XX
AC   ABX62889;
XX
DT   25-FEB-2003  (first entry)
XX
DE   Human activated T cell cDNA #5.
XX
KW   T cell; gene; ss; differential expression; T cell activation;
KW   antiallergic; cytostatic; immunosuppressive; antimicrobial; gene therapy;
KW   allergy; cancer; graft versus host disease; infection;
KW   autoimmune disorder.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US2002137077-A1.
XX
PD   26-SEP-2002.
XX
PF   25-OCT-2001; 2001US-00002600.
XX
PR   25-OCT-2000; 2000US-0243521P.
XX
PA   (HOPK/) HOPKINS C M.
PA   (PETE/) PETERSON D P.
PA   (COCK/) COCKS B G.
PA   (HAWK/) HAWKINS P R.
XX
PI   Hopkins CM,  Peterson DP,  Cocks BG,  Hawkins PR;
XX
DR   WPI; 2003-102381/09.
XX
PT   New combination comprising several cDNAs that are differentially
PT   expressed in activated T cells, useful for diagnosing, treating, staging
PT   or monitoring treatment for allergy, cancer, infectious and/or autoimmune
PT   disorders.
XX
PS   Claim 1; Page; 180pp; English.
XX
CC   This invention relates to the sequences of several cDNAs that are
CC   differentially expressed in activated T cells. The sequences of the
CC   invention may have antiallergic, cytostatic, immunosuppressive and
CC   antimicrobial activity and may be used in gene therapy. The invention
CC   also comprises a method for screening samples for differentially
CC   expressed genes and a method for detecting these cDNAs by hybridisation.
CC   The methods and compositions of the present invention are useful for
CC   diagnosing, treating, staging or monitoring treatment for allergy,
CC   cancer, chronic graft versus host disease, infectious and/or autoimmune
CC   disorders. The present sequence represents a cDNA of the invention that
CC   is differentially expressed in activated T cells
XX
SQ   Sequence 3622 BP; 965 A; 838 C; 902 G; 916 T; 0 U; 1 Other;

  Query Match             92.6%;  Score 3125.6;  DB 8;  Length 3622;
  Best Local Similarity   96.2%;  Pred. No. 0;
  Matches 3292;  Conservative    0;  Mismatches   35;  Indels   96;  Gaps    5;

Qy         12 CTCCGGCCGCCGCCGGTGCGGGTGCTCCGCTACCGGCTCCTCTCCGTTCTGTGCTCTCTT 71
              |||| |  ||||| ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db          1 CTCTGCGGGCCGCGGGGTGCGGGTGCTCCGCTACCGGCT-CTCTCCGTTCTGTGCTCTCTT 59

Qy         72 CTGCTCTCGGCTCCCCACCCCCTCTCCCTTCCCTCCTCTCCCCCTTGCCTCCCCTCCTCTG 131
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db         60 CTGCTCTCGGCTCCCCACCCCCTCTCCCTTCCCTCCTCTCCCCCTTGCNTCCCCTCCTCTG 119

Qy        132 CAGCGCCTGCATTATTTTCTGCCCGCAGGCTCGGCTTGCACTGCTGCTGCAGCCCGGGGA 191
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        120 CAGCGCCTGCATTATTTTCTGCCCGCAGGCTCGGCTTGCACTGCTGCTGCAGCCCGGGGA 179
```



```
Db      2269 TGAATGGCCAAGATCGTAGGATAGTACTAAAGTCTCTGGAGTTCCTAGCTCATCCTCTTG 2328

Qy      2352 CACTAACAATATTTGAGGATCGTGTCTACTGGATAGATGGGGAAAATGAAGCAGTCTATG 2411
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2329 CACTAACAATATTTGAGGATCGTGTCTACTGGATAGATGGGGAAAATGAAGCAGTCTATG 2388

Qy      2412 GTGCCAATAAATTCACTGGATCAGAGCTAGCCACTCTAGTCAACAACCTGAATGATGCCCC 2471
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2389 GTGCCAATAAATTCACTGGATCAGAGCTAGCCACTCTAGTCAACAACCTGAATGATGCCC 2448

Qy      2472 AAGACATCATTGTGTATCATGAACTTTGTACAGCCATCAGGTAAAAATTGGTGTGAAGAAG 2531
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2449 AAGACATCATTGTGTATCATGAACTTTGTACAGCCATCAGGTAAAAATTGGTGTGAAGAAG 2508

Qy      2532 ACATGGAGAATGGAGGATGTGAATACCTATGCCTGCCAGCACCACAGATTAATGATCACT 2591
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2509 ACATGGAGAATGGAGGATGTGAATACCTATGCCTGCCAGCACCACAGATTAATGATCACT 2568

Qy      2592 GTCCAAAATATACCTGTTCCTGTCCCAGTGGGTACAATGTAGAGGAAAATGGCCGAGACT 2651
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2569 GTCCAAAATATACCTGTTCCTGTCCCAGTGGGTACAATGTAGAGGAAAATGGCCGAGACT 2628

Qy      2652 GTCAAA---------------------------------------------------- 2657
             ||||||
Db      2629 GTCAAAGTACTGCAACTACTGTGACTTACAGTGAGACAAAAGATACGAACACAACAGAAA 2688

Qy      2658 ----------------------------------GGATCAATGTGACCACAGCAGTATCAGAGG 2687
                                               ||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2689 TTTCAGCAACTAGTGGACTAGTTCCTGGAGGGATCAATGTGACCACAGCAGTATCAGAGG 2748

Qy      2688 TCAGTGTTCCCCCAAAAGGGACTTCTGCCGCATGGGCCATTCTTCCTCTCTTGCTCTTAG 2747
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2749 TCAGTGTTCCCCCAAAAGGGACTTCTGCCGCATGGGCCATTCTTCCTCTTGCTCTTAG 2808

Qy      2748 TGATGGCAGCAGTAGGTGGCTACTTGATGTGGCGGAATTGGCAACACAAGAACATGAAAA 2807
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2809 TGATGGCAGCAGTAGGTGGCTACTTGATGTGGCGGAATTGGCAACACAAGAACATGAAAA 2868

Qy      2808 GCATGAACTTTGACAATCCTGTGTACTTGAAAACCACTGAAGAGGACCTCTCCATAGACA 2867
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2869 GCATGAACTTTGACAATCCTGTGTACTTGAAAACCACTGAAGAGGACCTCTCCATAGACA 2928

Qy      2868 TTGGTAGACACAGTGCTTCTGTTGGACACAGTACCCAGCAATATCAGTTGTAAGCACAG 2927
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2929 TTGGTAGACACAGTGCTTCTGTTGGACACAGTACCCAGCAATATCAGTTGTAAGCACAG 2988

Qy      2928 ATGATGATCTAGCTTGACTTCTGTGACAAATGTTGACCTTTGAGGTCTAAACAAATAATA 2987
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2989 ATGATGATCTAGCTTGACTTCTGTGACAAATGTTGACCTTTGAGGTCTAAACAAATAATA 3048

Qy      2988 CCCCCGTCGGAATGGTAACCGAGCCAGCAGCTGAAGTCTCTTTTTCTTCCTCTCGGCTGG 3047
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3049 CCCCCGTCGGAATGGTAACCGAGCCAGCAGCTGAAGTCTCTTTTTCTTCCTCTCGGCTGG 3108

Qy      3048 AAGAACATCAAGATACCTTTGCGTGGATCAAGCTTGTGTACTTGACCGTTTTTATATTAC 3107
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3109 AAGAACATCAAGATACCTTTGCGTGGATCAAGCTTGTGTACTTGACCGTTTTTATATTAC 3168

Qy      3108 TTTTGTAAATATTCTTGTCCACATTCTACTTCAGCTTTGGATGTGGTTACCGAGTATCTG 3167
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3169 TTTTGTAAATATTCTTGTCCACATTCTACTTCAGCTTTGGATGTGGTTACCGAGTATCTG 3228

Qy      3168 TAACCCTTGAATTTCTAGACAGTATTGCCACCTCTGGCCAAAATATGCACTTTCCCTAGAA 3227
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3229 TAACCCTTGAATTTCTAGACAGTATTGCCACCTCTGGCCAAATATGCACTTTCCCTAGAA 3288

Qy      3228 AGCCATATTCCAGCAGTGAAACTTGTGCTATAGTGTATACCACCTGTACATACATTGTAT 3287
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3289 AGCCATATTCCAGCAGTGAAACTTGTGCTATAGTGTATACCACCTGTACATACATTGTAT 3348

Qy      3288 AGGCCATCTGTAAATATCCCGGACAAAACGGGTTACTAAGATGAAATTGCCAAAAAAATT 3347
```

```
                  ||||||||||||||||||||| || || |      || |   | | | ||   ||| |  |
Db       3349 AGGCCATCTGTAAATATCCCAGAGAACAATCACTATTCTTAAGCACTTTGAAAATATTTC 3408

Qy       3348 TAT 3350
                 |||
Db       3409 TAT 3411
```